

Db 21484 GTTCATTAGTCCCATTTGTCAATTCCTGCATCTTA 21519

```

|||||
RESULT 6
US-08-772-440-33
Sequence 33 Application US/08772440
Patent No. 6046158
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Arizumi, Kiyoshi
APPLICANT: Takashima, Akira
TITLE OF INVENTION: UNIQUE DENDRITIC CELL-ASSOCIATED C-TYPE
TITLE OF INVENTION: LECTIN, LECTIN-1 AND LECTIN-2: COMPOSITIONS AND USES
TITLE OF INVENTION: THEREOF
NUMBER OF SEQUENCES: 42
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSER: Arnold, White & Durkee
STREET: P.O. Box 4433
CITY: Houston
STATE: Texas
COUNTRY: USA
ZIP: 77210
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: Patent Release #1.0, Version #1.30
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US-08/772,440
FILING DATE: CONCURRENTLY HERewith
CLASSIFICATION: 435
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: PARKER, David L.
REGISTRATION NUMBER: 32,165
REFERENCE/DOCKET NUMBER: UTXD:493
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: 512/418-3000
TELEFAX: 512/474-7577
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 33:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 10409 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: single
TOPOLOGY: linear
FEATURE:
NAME/KEY: modified_base
LOCATION: 6510
OTHER INFORMATION: /mod_base- OTHER
OTHER INFORMATION: /note= "A or G or T"
FEATURE:
NAME/KEY: modified_base
LOCATION: 3406..6470
OTHER INFORMATION: /mod_base- OTHER
OTHER INFORMATION: /note= "K - G or T"
FEATURE:
NAME/KEY: modified_base
LOCATION: 3564..7896
OTHER INFORMATION: /mod_base- OTHER
OTHER INFORMATION: /note= "M - A or C"
FEATURE:
NAME/KEY: modified_base
LOCATION: 3497..3607
OTHER INFORMATION: /mod_base- OTHER
OTHER INFORMATION: /note= "N - A or C or G or T"
FEATURE:
NAME/KEY: modified_base
LOCATION: 3479..6422
OTHER INFORMATION: /mod_base- OTHER
OTHER INFORMATION: /note= "R - A or G"
FEATURE:
NAME/KEY: modified_base
LOCATION: 3405..6871
OTHER INFORMATION: /mod_base- OTHER

```

```

OTHER INFORMATION: /note= "S - C or G"
FEATURE:
NAME/KEY: modified_base
LOCATION: 3457..9998
OTHER INFORMATION: /mod_base- OTHER
OTHER INFORMATION: /note= "M - A or T"
FEATURE:
NAME/KEY: modified_base
LOCATION: 3595..9999
OTHER INFORMATION: /mod_base- OTHER
OTHER INFORMATION: /note= "Y = C or T"
US-08-772-440-33

```

Query Match 13.3% Score 382.2; DB 3; Length 10409;

Best Local Similarity 68.5%; Pred. No. 17689;

Matches 558; Conservative 0; Mismatches 253; Indels 4; Gaps 2;

```

QY 1393 CTAAATCCCATATAATATGCTAGTATGATATGTTTCTTCTGCTACTTC 1452
DB 9007 CTAAATCCCATATAATATGCTAGTATGATATGTTTCTTCTGCTACTTC 9066
QY 1453 ACTCTGTATATAGCTCCAGTTTCATCCACCTCATAGAACCTGATATCTT 1512
DB 9067 ACTGAGATGATGCCCTCAGTCCATCCATTCATAGGAAATTCATATCTT 9126
QY 1513 TTATATGCTAGTATATATGCTATGATATGATATGATATGATATGATAT 1572
DB 9127 TTATATGCTAGTATATGCTATGATATGATATGATATGATATGATATG 9186
QY 1573 TGTATATGCTAGTATATGCTATGATATGATATGATATGATATGATATG 1632
DB 9187 TGTATATGCTAGTATATGCTATGATATGATATGATATGATATGATATG 9246
QY 1633 CATGCGCTAGTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTAT 1689
DB 9247 CATGCGCTAGTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTAT 9306
QY 1690 TGGGCTGCTAGTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTAT 1749
DB 9307 AGTATGCTAGTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATG 9366
QY 1750 TCTCATGCTAGTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTAT 1809
DB 9367 TCTCATGCTAGTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTAT 9426
QY 1810 TCCACACCTGCTAGTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCT 1869
DB 9427 TCCACACCTGCTAGTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCT 9486
QY 1870 TGTGAAATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATG 1928
DB 9487 TGTGAAATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATG 9546
QY 1929 TGTGAAATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATG 1988
DB 9547 TGTGAAATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATG 9606
QY 1989 TGTGAAATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATG 2048
DB 9607 TGTGAAATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATG 9666
QY 2049 TGTGAAATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATG 2108
DB 9667 TGTGAAATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATG 9726
QY 2109 TGTGAAATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATG 2168
DB 9727 TGTGAAATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATG 9786
QY 2169 GTTAATAGTCCCATTTGTTATTTTGTCTTTTA 2203
DB 9787 TTACATAGTCCCATTTGTTATTTTGTCTTTTA 9821

```

RESULT 7

US 08 078 090 3

Sequence 4, Application US/08078090

Patent No. 5719407

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: HERSTROM, SVEN

APPLICANT: HERSTROM, OLE

APPLICANT: LERNERSTAD, BO

APPLICANT: HALLMARSSON, KARIN

APPLICANT: JONSSON, LENNART

APPLICANT: TERNSTEDT, JAN

APPLICANT: STROMMOLL, MATS

TITLE OF INVENTION: HUMAN BETA CASPAIN PROCESS FOR PRODUCING

NUMBER OF SEQUENCES: 24

CORRESPONDENCE ADDRESS:

ADDRESS: BROMOY AND NEUMARK

STREET: 419 SEVENTH STREET, N.W.

CITY: WASHINGTON

STATE: D.C.

COUNTRY: USA

ZIE: 20004

COMPUTER READABLE FORM:

MEDIUM TYPE: floppy disk

OPERATING SYSTEM: 4.3bsd/bsd

SOFTWARE: Patent In Release #1.0, Version #1.25

CURRENT APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: US/08/078,090

FILING DATE: 19930618

CLASSIFICATION: 435

PRIORITY APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: WO 93/04422, 000736

FILING DATE: 19-08-1992

PRIORITY APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: WO 92/00041, 000233

FILING DATE: 19-AUG-1991

ATTORNEY/AGENT INFORMATION:

NAME: COOPER, IVER P.

REGISTRATION NUMBER: 28,005

REFERENCE/BOOK NUMBER: HERSTROM2

TELECOMMUNICATION INFORMATION:

TELEPHONE: (202)628-5197

TELEFAX: (202)737-3528

TELEX: 248633

INFORMATION FOR SEQ ID NO: 4:

SEQUENCE CHARACTERISTICS:

LENGTH: 10607 base pairs

TYPE: nucleic acid

STRANDEDNESS: single

TOPOLOGY: linear

MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

FEATURE:

NAME/KEY: CDS

LOCATION: join(4804..4854, 5720..5745, 6720..6746, 6845

LOCATION: ..6886, 7991..8521, 9440..9445)

US 08 078 090 4

Query Match: 13.3%, Score 374.6, DR 12, Length 10607

Best local Similarity: 68.4%, Prod. No. 1.6e-872

Matches: 577, Conservative: 0, Mismatches: 259, Indels: 7, Caps: 4

DB 1483 TNCATCTTCAATGCAATATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1443 GATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 2320 TNCATCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1502 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 11 11 1111 11111 11 11 1111 1111111 1111 11 1

DB 1502 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 11 11 1111 11111 11 11 1111 1111111 1111 11 1

DB 1502 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 11 11 1111 11111 11 11 1111 1111111 1111 11 1

DB 1502 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 11 11 1111 11111 11 11 1111 1111111 1111 11 1

DB 1502 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 11 11 1111 11111 11 11 1111 1111111 1111 11 1

DB 1502 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 11 11 1111 11111 11 11 1111 1111111 1111 11 1

DB 1502 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 2380 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1562 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 2440 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1622 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 2500 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1678 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 2560 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1738 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 2620 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1798 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 2680 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1838 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 2740 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1917 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 2806 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1977 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 2860 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 2037 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 2919 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 2097 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 2979 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 2157 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3035 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 2217 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 1099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

DB 3099 AATCTTCTTCAATGCAATATATGCTTATATGCTTATATGCTTCTCT 1442

Matches 597; Conservative 0; Mismatches 260; Indels 17; Gaps , 7;

QY 1355 TTGGCTCTCTGGTACACAGAGGATAGTACATTTTAAAGGAAATATATGGCT 1414
 Db 5943 TGTATGTCCCGCTCGCTGTGCAATATGTCTGCTGTGTGATTCGACATATAGTAG 6002
 QY 1415 AGTAACTGATTTATGTTTCTCTCTGCTGCTTACTGACTCTGTATATAGGCTCAGT 1474
 Db 6003 AATATCTGATTTGCTTTTCTTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 6060
 QY 1475 TCTACGACCTCTATGAAATATATCAATGATTTTATATGCTGATATATCTG 1534
 Db 6061 TTTCACGACCTCTCTACAGAGGACATGACATCATATTTTATATGCTGCAATATTC 6120
 QY 1535 ATGCTGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1594
 Db 6121 ATGCTGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6179
 QY 1595 TTCCATCTCCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1653
 Db 6180 TTCCATCTCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 6239
 QY 1654 TTCCCTCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1706
 Db 6240 ATACACCATCATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6299
 QY 1707 AAGGAGCTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1766
 Db 6300 ATGCTGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6359
 QY 1767 CTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1826
 Db 6360 CTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 6418
 QY 1827 ATTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1886
 Db 6419 ACGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 6478
 QY 1887 TAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1945
 Db 6479 TTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 6538
 QY 1946 TCTACGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2005
 Db 6539 TTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 6598
 QY 2006 TCAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2065
 Db 6599 TCAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 6654
 QY 2066 TTTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2125
 Db 6655 TTACGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 6714
 QY 2126 TCACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2185
 Db 6715 TCACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 6774
 QY 2186 TGTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2245
 Db 6775 TGTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 6834

```

1 CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/741,150
2
3 CURRENT FILING DATE: 2000-12-21
4
5 NUMBER OF SEQ ID NOS: 4
6
7 SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0.0
8
9 SEQ ID NO 3
10
11 LENGTH: 112132
12
13 TYPE: DNA
14
15 ORGANISM: Human
16
17 FEATURE:
18 NAME/KEY: misc_feature
19 LOCATION: (1)...(112132)
20
21 OTHER INFORMATION: n = A,T,C or G
22
23 US-09-741-150-3

```

Query Match	12.18;	Score	347.8;	DB	4,	Length	112132;
Best Local Similarity	64.8%;	Pred. No.	4.3e-80;				
Matches	620;	Conservative	0;	Mismatches	312;	Indels	25;
						Gaps	6

[illegible]


```

1  NUMBER OF SFO ID NOS: 4
2  SOFTWARE: FastSFO for Windows V4.0
3  SFO ID NO: 3
4  LENGTH: 22667
5  TYPE: DNA
6  ORGANISM: Human
7  UN_09-820_001 3

```

Query Match 11.3%; Score 325.4; DB 4; Length 22067;
 Host Local Similarity 68.1%; Pred No. 1.4e+74;
 Matches 570; Conservative 0; Mismatches 231; Indels 36; Caps 7.

UY	1388	TCCTCAATCTCTATATAATACGGCTAGAGTAACAGTATATATCTCTTCTCCCTT	1344
DG	13429	TTTTTAAATCTCTATATAATACGGCTAGAGTAACAGTATATATCTCTTCTCCCTT	13479
UY	1448	ACTTCATCTCTGATATAAATAGAGTCTGAAATTCATCAACCTCAATATAATATATA	1507
DG	13480	ATTTCATCTCTGATATAAATAGAGTCTGAAATTCATCAACCTCAATATAATATA	13539
UY	1508	TTCTTTTAAATGCTCACTATATATCTCATTTGTGAATATGTATCTCACTCTTATCAT	1567
DG	13540	TTCTTTTAAATGCTCACTATATATCTCATTTGTGAATATGTATCTCACTCTTATCAT	13588
UY	1568	TCATCTCTGATATGCAATATCAAGCTTCCTTCAGCTGCTGCTATATATAAAGCTGCTG	1627
DG	13584	TCATCTCTGATATGCAATATCAAGCTTCCTTCAGCTGCTGCTATATATAAAGCTG	13643
UY	1628	ATGAAATCTGCTGCTATACCTCTCTCTTCTGCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1677
DG	13644	ATGAAATCTGCTGCTATACCTCTCTCTTCTGCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	13708
UY	1678	TATCAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT	1737
DG	13704	TATCAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT	13765
UY	1738	TTCTCAATCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	1795
DG	13764	TTCTCAATCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	13823
UY	1776	ATGAAATCTGCTGCTATACCTCTCTCTTCTGCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1855
DG	13824	ATGAAATCTGCTGCTATACCTCTCTCTTCTGCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	13883
UY	1856	CTTCAATCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	1914
DG	13884	CTTCAATCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	13943
UY	1916	ATGAAATCTGCTGCTATACCTCTCTCTTCTGCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1972
DG	13944	ATGAAATCTGCTGCTATACCTCTCTCTTCTGCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	14003
UY	1976	ATGAAATCTGCTGCTATACCTCTCTCTTCTGCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	2032
DG	14004	ATGAAATCTGCTGCTATACCTCTCTCTTCTGCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	14059
UY	2034	TATCAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT	2092
DG	14060	TATCAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT	14119
UY	2094	CTTCAATCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	2151
DG	14120	CTTCAATCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	14179
UY	2151	ATGAAATCTGCTGCTATACCTCTCTCTTCTGCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	2208
DG	14180	ATGAAATCTGCTGCTATACCTCTCTCTTCTGCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	14236

```

1  GENERAL INFORMATION:
2  APPLICANT: GUNGLER, Karl et al
3  TITLE OF INVENTION: ISOLATED HUMAN KINASE PROTEINS, NUCLEIC
4  TITLE OF INVENTION: ACID MOLECULES FUNCTIONING AS HUMAN KINASE PROTEINS, AND USES
5  TITLE OF INVENTION: THEREOF
6  FILE REFERENCE: C1001020
7  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/734,673
8  CURRENT FILING DATE: 2000-12-13
9  NUMBER OF SEQ ID NOS: 6
10 SOFTWARE: FASTSEQ for Windows Version 4.0
11 SEQ ID NO 3
12 LENGTH: 36564
13 TYPE: DNA
14 ORGANISM: Human
15 FEATURE:
16 NAME/KEY: misc_feature
17 LOCATION: (1)..'(36564)
18 OTHER INFORMATION: n = A,T,C or G
19 US-09-734-673-3

```

Query Match	11.18	Score 319.4	DB 4	Length 38564
Best Local Similarity	65.58	Pred. No. 6.5e-73		
Matches 576	Conservative	0	Mismatches 266	Totals 27
				Gaps 6

[illegible]

